

B 2004

2

2



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Ciencias Biológicas

Int. Güiraldes 2620
Ciudad Universitaria - Pab. II, 4º Piso
CP:1428 Nuñez, Ciudad Autónoma de Buenos Aires
Argentina

▲ : <http://www.bg.fcen.uba.ar>

Carrera: Licenciatura en Ciencias Biológicas	Código de la carrera: 05
Carrera: Doctorado en Ciencias Biológicas	Código de la carrera: 55
	Código de la materia: 7-

SISTEMATICA TEORICA

CARÁCTER:	[SI / NO]	PUNTAJE:
Curso obligatorio de licenciatura (plan 1984)	NO	--
Curso optativo de licenciatura (plan 1984)	SI	--
Curso de postgrado	SI	

Duración de la materia:	16 Semanas	Cuatrimestre en que dicta:	2	Cuatrimestre
Frecuencia en que se dicta:	<i>Anualmente</i>			

Horas de clases semanales:	Discriminado por:	Hs.
	Teóricas	5
	Problemas	
	Laboratorios	3
	Seminarios	2
Carga horaria semanal:		10
Carga horaria total cuatrimestral:		160

Asignaturas correlativas:	Genética I
Curso PG. Dirigido a:	Biólogos. Paleontólogos. Agrónomos.
Forma de Evaluación:	2 Parciales y Final. Optativo: promoción sin final para promedio entre los dos parciales superior a 65/100

Profesor/a a cargo:	Confalonieri, Viviana
Firma:	
Aclaración:	V. Confalonieri
	Fecha: 6/9/04

SISTEMATICA TEORICA



Fundamentos:

La sistemática tiene por objeto de estudio la diversidad de los organismos vivientes, y éste constituye uno de los grandes desafíos de la Biología Contemporánea, por cuanto el impacto del hombre sobre los ambientes naturales está provocando la extinción de numerosas especies, y muchas de ellas desaparecerán de la tierra antes de que puedan ser conocidas. Históricamente el conocimiento sistemático ha crecido a través de la acumulación de datos sobre los atributos de los organismos, dando nombre a más de 1,5 millones de especies. Sin embargo, la mera acumulación de datos, por mejor ordenados que estén, no es suficiente para comprender el mundo biológico. Los datos acumulados y ordenados siguen siendo sólo datos a la espera de su interpretación.

La teoría de la evolución de las especies por Selección Natural formulada por Charles Darwin en 1859 introdujo un nuevo marco conceptual en el campo de la sistemática. Sin embargo, el reemplazo del pensamiento aristotélico-esencialista sobre el concepto de especie, por otro fundado en aspectos biológicos y poblacionales, se produjo recién en el siglo pasado a partir de la década del '40 con la denominada "Nueva Sistemática" (Huxley, 1940). En la actualidad el método más utilizado en sistemática es el método filogenético, también denominado cladístico, según el cual las clasificaciones biológicas deben reflejar el patrón de relaciones genealógicas de los seres vivos, resultado de la filogenia o historia evolutiva común. La formulación original de este método suele atribuirse al entomólogo alemán Willi Hennig, quien desarrolló sus ideas entre los años '50 y '60, aunque su metodología recién empezó a hacerse más conocida en la década del '70. Hennig fue uno de los científicos que más se mostraron en contra de la idea de que la sistemática era una especie de "arte", e insistió, en cambio, en que ésta debe verse como una ciencia, y que sus principios y fundamentos por lo tanto deben ser justificados y discutidos de una forma lógica y racional (Goloboff, 1998).

En la década del '80 comenzó a generalizarse el uso de los términos Biología General y Biología Comparada, esta última definida como el estudio de la diversidad de especies y taxones superiores, con el objeto de descubrir los patrones bióticos que reflejan el orden natural. En consecuencia la Sistemática Biológica, en tanto disciplina de la Biología Comparada, intenta construir clasificaciones que, por su naturaleza, sirven como sistema general de referencia en biología. Estas clasificaciones representan hipótesis sobre patrones de ancestralidad común, y por lo tanto pueden ser utilizados en estudios de Biogeografía Histórica, Biología Evolutiva, Ecología, Paleontología y Biología de la Conservación, con el fin de interpretar y explicar procesos tales como la secuencia temporal del cambio de un carácter, el significado adaptativo de ciertos caracteres, las asociaciones evolutivas entre taxones y el grado de diversificación alcanzado por alguno de ellos (Lanteri y Cigliano, 2004).

La Sistemática actual es una de las ciencias más inclusivas y dinámicas de la biología, a partir de la cual surgen hipótesis, generalizaciones y predicciones sobre los patrones bióticos y los mecanismos que los generan. Utiliza como fuente de caracteres datos morfológicos, etológicos, ecológicos, fisiológicos, cromosómicos y/o moleculares, que luego son analizados matemáticamente mediante algoritmos computarizados. Es por lo tanto multidisciplinaria, en cuanto a que abarca diversas áreas del conocimiento, desde la taxonomía, la biología evolutiva y la biología molecular, hasta la matemática y la bioinformática. Por último, cabe destacar que en los últimos 10-15 años, la incorporación masiva de datos de secuencias de ADN en estudios sistemáticos ha derivado en un crecimiento importante en el desarrollo de algoritmos

matemáticos que analicen matrices de caracteres cada vez mas grandes. Por otro lado, este crecimiento ha permitido la aplicación de dichos algoritmos a la resolución de problemas biológicos que van mucho mas allá de la clasificación de los organismos, como puede ser la interpretación de datos provenientes de proyectos genomas, el patrón epidemiológico viral en poblaciones humanas, o la elaboración de evidencias en casos judiciales de individuos infectados con HIV (Crisci y Katinas, 1997).

Objetivos:

- 1) Destacar la importancia de los estudios sobre la diversidad y las relaciones de parentesco de los organismos en la biología contemporánea.
- 2) Comprender los fundamentos lógicos, epistemológicos y metodológicos que subyacen al análisis y síntesis de la información utilizada con el propósito de esclarecer las relaciones de parentesco entre los organismos y la taxonomía como ciencia normativa de la práctica clasificatoria.
- 3) Comprender los principios evolutivos que subyacen a la elaboración de los algoritmos utilizados en reconstrucciones filogenéticas.
- 4) Aprender a utilizar las herramientas informáticas mas comúnmente usadas para la construcción de árboles, en particular aquellos que provienen del análisis del caracteres moleculares.

Puntos de Articulación con respecto a la Carrera:

Este es un curso teórico-práctico optativo dentro de la carrera de Licenciatura en Ciencias Biológicas de la Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. No obstante debería ser una materia electiva para los alumnos de las orientaciones Sistemática y Morfología Animal; Sistemática y Morfología Vegetal y Genética y Evolución. En virtud de los contenidos que aborda, deberá tener como correlativa Genética I.

Carga horaria:

El curso es cuatrimestral. Consistirá de 5 horas semanales de clases teóricas (2 clases por semana) y 4 horas semanales de clases prácticas (una clase por semana).

Cantidad de veces que se dicta por año: 1

Modalidad de enseñanza:

En las clases teóricas se abordaran todos los contenidos desarrollados en el programa del curso. Como complemento se podrán dictar conferencias a cargo de especialistas.

- En las clases prácticas los alumnos desarrollarán las siguientes actividades:
- Resolverán ejercicios relacionados con la construcción manual de matrices, codificación de caracteres, construcción de árboles, etc.
 - Aplicarán programas informáticos de alineamiento de secuencias y de reconstrucción de árboles por métodos de distancia, parsimonia, Máxima Verosimilitud y Análisis Bayesiano.

- Leerán bibliografía específica para el análisis de los temas, creando espacios para reflexionar, ejercitar y afianzar el pensamiento crítico.
- Elaborarán monografías e Informes escritos y orales.



Programa:

Unidad 1. Sistemática Biológica: Generalidades y Conceptos básicos.

Disciplinas relacionadas con la clasificación. Historia de la clasificación de los organismos. Jerarquía Linneana, taxones y categorías taxonómicas. Síntesis de las ideas sobre clasificación: La taxonomía Fenética, la Taxonomía Evolutiva y la Sistemática Filogenética. Etapas de un estudio sistemático: Búsqueda bibliográfica, Obtención e identificación de los especímenes en estudio. Selección y registro de caracteres. Análisis de los caracteres, interpretación de resultados y adopción de decisiones taxonómicas. Planteo de hipótesis.

Unidad 2. La especie como unidad fundamental de la sistemática y de la clasificación biológica.

Estatus ontológico de la especie. Realismo idealista. Realismo evolutivo y Nominalismo. Conceptos de especie. Morfológico. Paleontológico. Fenético. Biológico o de aislamiento reproductivo. Evolutivo. Cohesivo. Filogenético. Autoapomórfico. Monofilético. Cronoespecies. Especies agámicas y especies partenogénicas. Tipos de especies. Variaciones infraespecíficas. Variaciones intrapoblacionales.

Unidad 3. Caracteres taxonómicos.

Definición de carácter taxonómico. Clasificación de caracteres según sus fuentes: Morfológicos, Fisiológicos, Cromosómicos, Proteicos, Moleculares, Ecológicos, Etológicos, Biogeográficos. Caracteres y estados de los caracteres. Caracteres binarios y multiestado. Caracteres discretos y continuos. Homologías, analogías. Homoplasias: convergencias, paralelismos y reversiones.

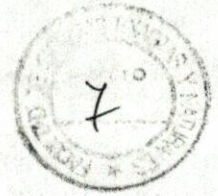
Unidad 4. Reconstrucción de Filogenias I: Argumentación Hennigiana

Postulados de la sistemática filogenética. Criterios de homología primaria y secundaria. Estados homólogos: plesiomorfias y apomorfias. Estados no homólogos u homoplásicos: paralelismo, convergencia y reversiones. Principio de simplicidad o parsimonia. Pasos para la obtención manual de cladogramas. Delimitación del "ingroup". Selección de caracteres. Establecimiento de homologías primarias. Codificación de caracteres. Codificación de datos faltantes e inaplicables. Enraizamiento. Determinación de la polaridad "a priori". Construcción de una matriz de datos. Construcción manual de cladogramas: Argumentación Hennigiana o regla de la inclusión/exclusión.

Unidad 5. Reconstrucción de Filogenias II: Algoritmos Matemáticos Computarizados

Criterios de optimización. Parsimonia de Wagner o de Farris. Parsimonia de Fitch. Parsimonia de Dollo. Búsqueda de los árboles de longitud mínima. Algoritmo de Wagner. Búsquedas exactas. Búsquedas Heurísticas. Optimización de caracteres (fast, slow y unambiguos). Parámetros del árbol: longitud, índice de retención, índice de consistencia, índice de consistencia reescalado. Pesado de caracteres. Programas de

Computación en cladística: NONA, TNT, PAUP, WINCLADA. Métodos para medir la confiabilidad de los árboles.



Unidad 6: Cladística, clasificación y decisiones taxonómicas:

Taxones Mono, Para y Polifiléticos. Naturaleza de los taxones superiores. Ventajas y desventajas de la clasificación cladística. Principales convenciones para transformar un cladograma en una clasificación cladística: Subordinación y Secuenciación

Unidad 7. Sistemática Molecular: elección de la fuente de caracteres

Variabilidad de secuencias y rango taxonómico a analizar. Cloroplastos: análisis por sitios de restricción y por secuenciación. Rearreglos estructurales de cloroplastos y sus implicancias en el análisis filogenético. Genes de cloroplastos y rango taxonómico de utilidad: rbcL, atpB, matK, mdhF, 16rDNA, región espaciadora atp-rbcL. Secuencias nucleares y su rango taxonómico de utilidad: genes ribosomales ADNr18s, ADNr26s, ADNr5.8s, ITS, IGS, 5s y genes espaciadores. Otros genes nucleares. Genes mitocondriales.

Unidad 8. Sistemática Molecular: alineación de secuencias de ADN.

Alineación global y local. Alineación visual. Métodos de alineación por matrices de punto y por similitud. Los "gaps" como caracteres filogenéticos. Penalidad sobre los gaps. Alineamientos estáticos vs. Alineamientos dinámicos: método de optimización directa. Programas informáticos.

Unidad 9: Sistemática Molecular: Peso de los caracteres.

El caso del gen ADNr 18s: distribución y frecuencia de deleciones e inserciones; "stems", loops y cambios compensatorios de bases; dominios variables y dominios conservados. Desvíos en tasas de transición y transversión. Consecuencias de la aplicación de pesos en el análisis filogenético.

Unidad 10: Sistemática Molecular: Otros métodos de reconstrucción filogenética

Matrices de distancias. Aditividad y ultrametricidad. Análisis de agrupamiento. UPGMA y Neighbor-Joining. Métodos basados en modelos de sustitución nucleotídica: Máxima verosimilitud y Análisis Bayesiano. Programas informáticos.

Unidad 11: Hipótesis Filogenéticas conflictivas:

Evaluación de árboles a partir de distintas fuentes de caracteres: métodos combinados, de consenso y de combinación. Congruencia Topológica y congruencia de caracteres. Mediciones cuantitativas de la incongruencia entre árboles. Significación estadística. Causas de conflicto. Genes ortólogos y parálogos. Tasas heterogéneas entre taxa y entre sitios. Composición de bases sesgadas. Causas de origen organizmico: evolución morfológica convergente. Hibridación e introgresión. Distribución de linajes o "lineage sorting". Teoría de la coalescencia. Transferencia horizontal.

Kitching, I.A., Forey, P.L, Humphries, C.J and Williams, D.M. 1998-2000. *Cladistics: The Theory and Practice of Parsimony Analysis*. Oxford University Press Inc., New York.

Lanteri, A. A., y M. M. Cigliano (eds.), 2004. *Sistemática Biológica: Fundamentos teóricos y ejercitaciones*. Edulp. La Plata, Argentina, 241pp.

Mau, B. & M. Newton, 1997. Phylogenetic inference for binary data on dendrograms using Markov chain Monte Carlo. *J. Comp. Graph. Stat.* 6: 122-131.

Mau, B., M. Newton & B. Larget, 1999. Bayesian phylogenetic inference via Markov chain Monte Carlo methods. *Biometrics* 55: 1-12.

Morrone, J. J. 2000. *El lenguaje de la cladística*. Universidad Autónoma de México. México. 109 pp.

Nei, M, Kumar, S. y Kumar, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.

Page, R. D. M. & E. C. Holmes, 1998. *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*. Blackwell Science Ltd., London, Cambridge. 346 pp.

Wheeler, W. C., 1996. Optimization alignment: the end of multiple sequence alignment in phylogenetics?. *Cladistics* 12: 1-9.

Yang, Z., 1994. Statistical properties of the maximum likelihood method of phylogenetic estimation and comparison with distance matrix methods. *Systematic Biology* 43: 329-342.



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Expte. N° 480.595

Buenos Aires, 27 DIC. 2004

VISTO las presentes actuaciones elevadas por el Departamento de Ciencias Biológicas donde comunica la actualización del programa de la materia SISTEMÁTICA TEÓRICA, correspondiente al Ciclo Superior de la Licenciatura en Ciencias Biológicas.

CONSIDERANDO :

La revista del personal docente informada por la Dirección de Personal a fojas 10.
Lo aconsejado por la Comisión de Programas y Planes de Estudio.
Lo actuado por este Cuerpo en su sesión realizada en el día de la fecha, y en uso de las atribuciones que le confiere el artículo 114 del Estatuto Universitario.

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y
NATURALES
R E S U E L V E :

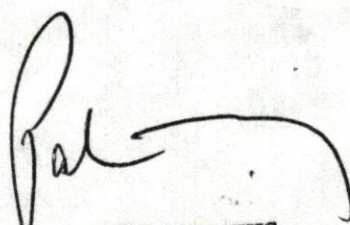
ARTICULO 1.- Aprobar la actualización del programa de la materia SISTEMÁTICA TEÓRICA, correspondiente al Ciclo Superior de la Licenciatura en Ciencias Biológicas.

ARTICULO 2.- Tome conocimiento la Dirección de Alumnos y Graduados, remítase copia de la presente resolución conjuntamente con el correspondiente programa a la Dirección de Biblioteca y Publicaciones, cumplido, archívese.

2464 17

RESOLUCION DJ N°


DR. NORBERTO D. IUSEM
Secretario de Investigación


DR. PABLO MIGUEL IACOVKIS
DECANO